

| | | | | |
|-----------------------------|-----|---|-----|-------------|
| Rat MOR-1 | ◇ | MDSSTGPGNTSDCSDPLAQASCSPAPGSWL | 30 | SEQ ID NO:2 |
| Mouse DOR-1 | | MELV-SARAE- | 11 | SEQ ID NO:7 |
| Rat Somatostatin Receptor 1 | | MFPNGTAPSPPTS--SSSPGG | 20 | SEQ ID NO:8 |
| Rat Somatostatin Receptor 2 | | MELTS | 5 | SEQ ID NO:9 |
| MOR | ◇ | NLSHVDGNQSDPCGLNRTGLGNDLSCPQTGSPSMVT AITIMALYSIVC | 79 | |
| DOR | | QS-PLV -L--AFPSAFPSAGA-A-GS-GAR-A--LAL--A-T---A-- | 60 | |
| SOM1 | | CGEGLCSRGPSCGAADGMEEPGRN-SQNGTL-EGQGS -L-SFI--V-- | 69 | |
| SOM2 | | EQFNGSQVWIPSPFDLNGS--PSNGSNQTEPYD-TSN-VL TFI-FV-- | 54 | |
| MOR | | VVGLFGNFLVMYVIVRYTKMKATNIYIFNLALADALATSTLPFQSVNYL | 129 | |
| DOR | | A---L--V---FG-----L----- | 110 | |
| SOM1 | | L---C--SM-I---L--A-----L---I--E-LMLSV--LVTST- | 119 | |
| SOM2 | | -----C--T--I---L--A-----I-----L---I--E-FMLG---LAMQVA | 104 | |
| | I | | | |
| | | | II | |
| MOR | = | MGTWPFGTILCKIVISIDYYNMFTSIFTLCT MSVDRIYAVCHPVKALDF | 178 | |
| DOR | | -E-----EL---A-L-----M----- | 159 | |
| SOM1 | | LRH-----AL---RL-L-V-A-----YC- -VL-----V--V--I--ARY | 168 | |
| SOM2 | | L VH -----KAI-RV-MTV-GI-Q-----C- -V--I---L--V--I-SAKW | 153 | |
| | III | | | |
| MOR | ○ | RTPRNAKIVNCNWILSSAIGLPVMFMATTKYRQGSID C T LTFSHP T WY | 227 | |
| DOR | | ---AK--LI-I-I-V-ASGV-V-I-V--V-QP-D-AVV -M-Q-PS-S--- | 208 | |
| SOM1 | | -R-TV--V--LGV-V--LLVI--IVVFSR-AANS D GTVA-NMLMPE-AQR | 218 | |
| SOM2 | | -R--T--MI--AV-GV-LLVI--I-IY-GLRSN-WGRSS-TINWPGESGA | 203 | |
| | IV | | | |

FIG. 1A

| | | |
|------|--|-----|
| MOR | WENLLKICVFIFAFIMPILIIITVCYGLMILRLKSVRLSGSKEKDRNLRR | 277 |
| DOR | -DVT-----VV-----L---R---L-----S--- | 258 |
| SOM1 | -LVGFVLYT-LMG-LL-VGA-CL--V-I-AKMRM-ALKA-WQQRK-SE-K | 268 |
| SOM2 | -YTGFI-YA--LG-LV-LT--CL--LRI- <u>IKV--SGIRV--SKRKKSEKK</u> | 253 |
| | <u>V</u> | |
| MOR | ITRMVLVVAVFIVCWTPIHIIYIIKALITIPETFQTV SWHFCIALGY | 326 |
| DOR | -----GA-V---A-----F---VWT-VD-NRRDPLV-AAL-L----- | 308 |
| SOM1 | --L--MM--M--VI--M- FYVV Q-VNVFAEQDDATV-QLSV- --- | 313 |
| SOM2 | V-----SI-----F--L-FY-FNVSSVSA-SP-PALKGMDFV- <u>-T-</u> | 302 |
| | <u>VI</u> | |
| MOR | TNSCLNPVLYAFLDENFKRCFRCIPTSTIEQQNSTVRQ NTREHPS | 375 |
| DOR | A--S-----QL-RTPCGRQ-PGSLR-P--AT---RV | 357 |
| SOM1 | A---A--I--G--SD-----S-QRILCLSWMDNAAEPPVDYY ATALKSRA | 362 |
| SOM2 | A---A--I--A--SD---KS-QNVLCVKSVAEDGERSDSKQDKSRLNE | 352 |
| | <u>VII</u> | |
| MOR | TANTVDRTNHQLENLEAETAPLP | 398 |
| DOR | --C-PSDGPGGGAAA | 372 |
| SOM1 | YSVEDFQPENLESGGVFRNGTCASRISTL | 391 |
| SOM2 | -TE- Q--LLNGDLQTSI | 369 |

FIG. 1B

104240-0247860

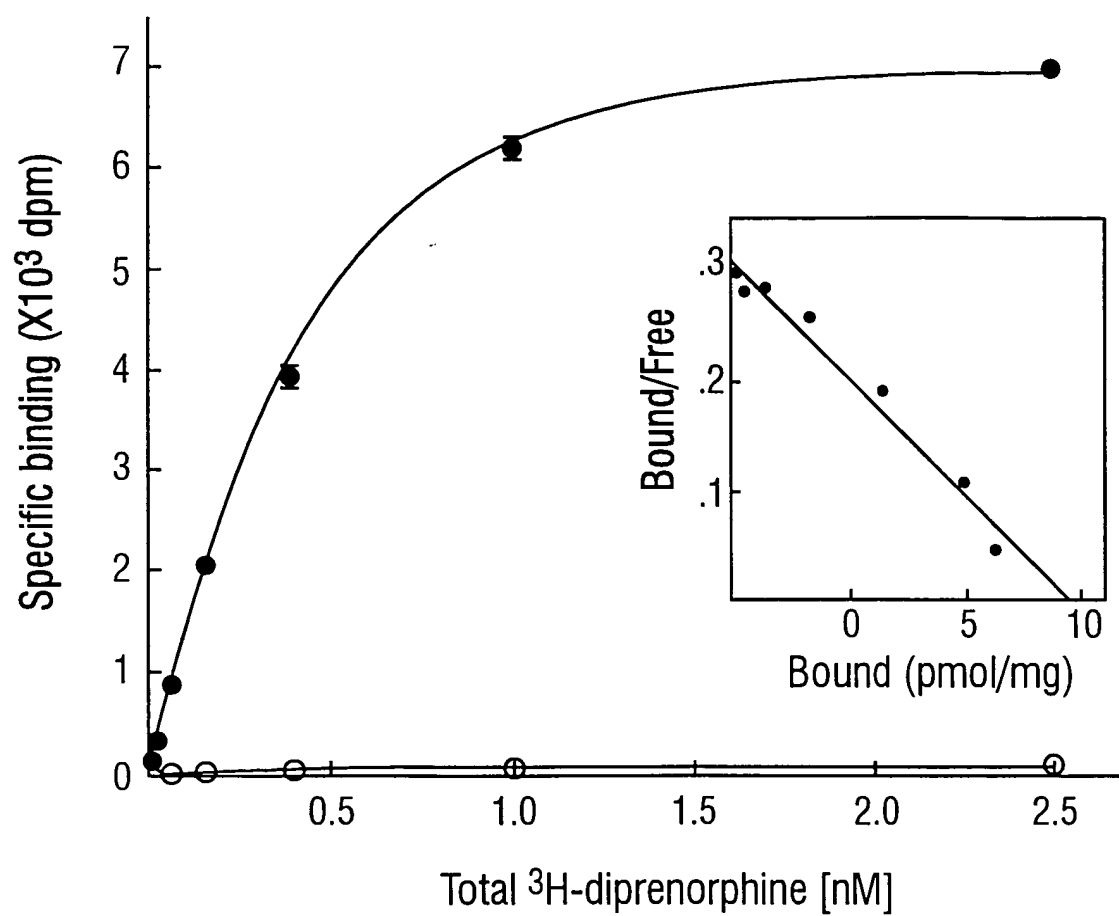


FIG.2

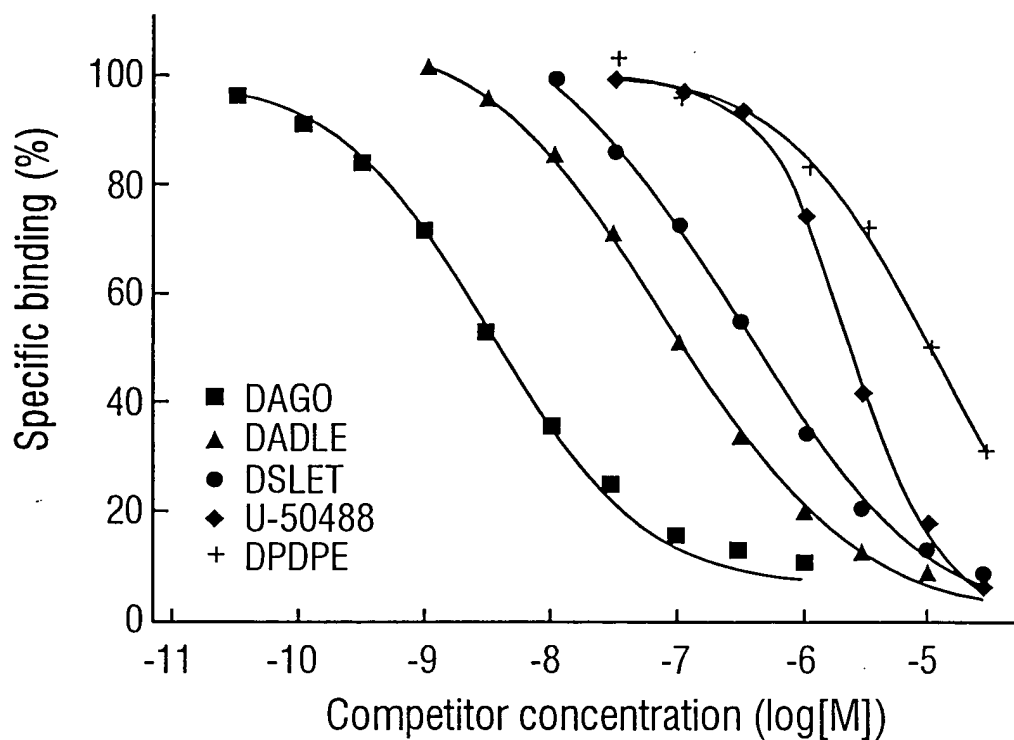


FIG. 3A

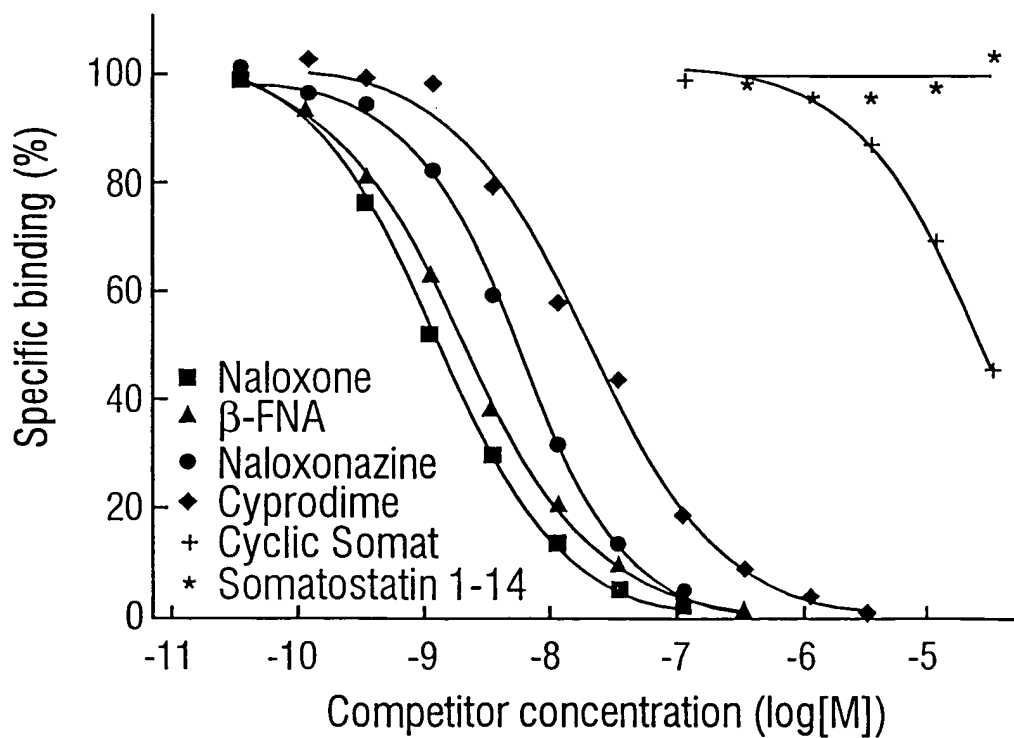


FIG. 3B

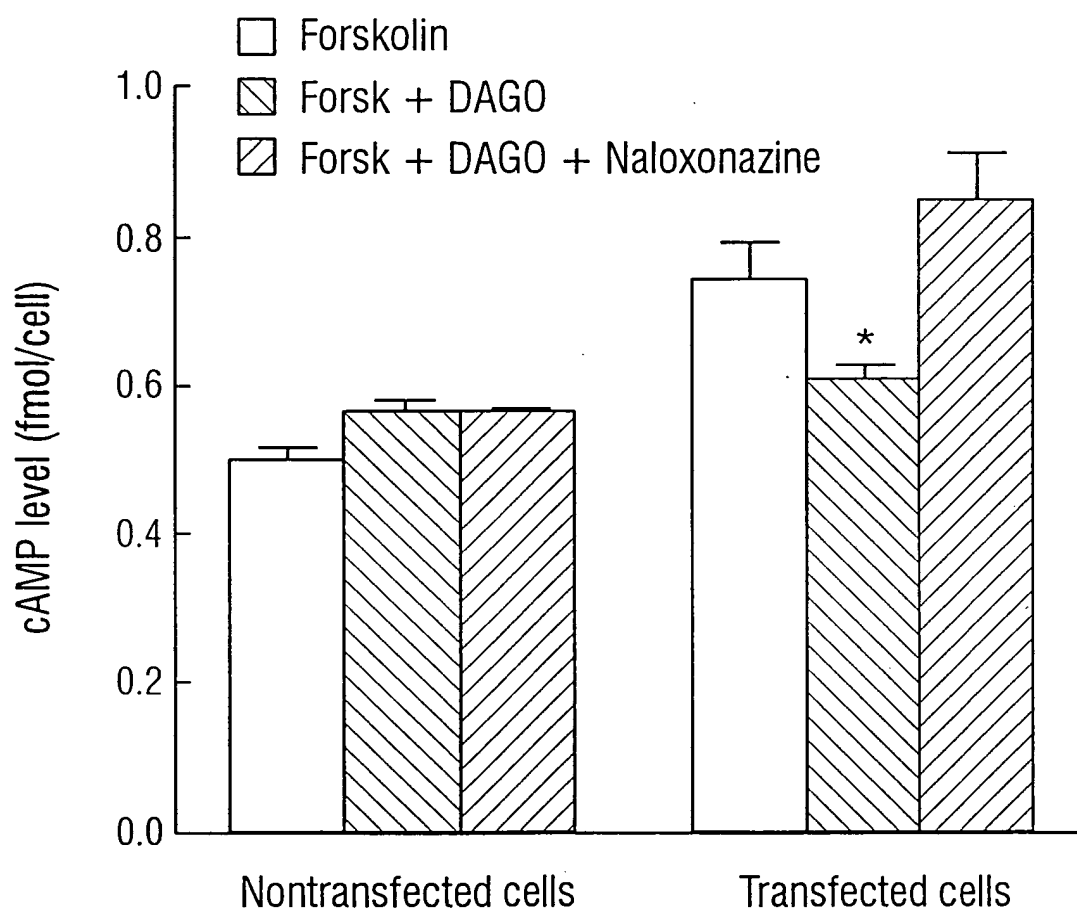


FIG. 4